

Replacement Sheet

Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

	*	20	*	
Seqid1	:	ATGTCAAAGCCCGTTTTGTTTGCAAATCGC	:	30
Seqid3	:	-----	:	-

	40	*	60	
Seqid1	:	AGTTTTATGCCTGTCGCATTGGCGGCTTAT	:	60
Seqid3	:	-----	:	-

	*	80	*	
Seqid1	:	TTGCCTTTGATGACATCGCAAGCATTGGCA	:	90
Seqid3	:	-----	:	-

	100	*	120	
Seqid1	:	CAACAAAATAACCCTGCAAACATCATCAAT	:	120
Seqid3	:	:	30

	*	140	*	
Seqid1	:	CATGTACCCGCTCATGACACCGCCATCAAT	:	150
Seqid3	:	:	60

	160	*	180	
Seqid1	:	CAAGCAAAGGCAGGCAATCCGCCTGTTTTG	:	180
Seqid3	:	:	90

Figure 1B

	*	200	*	
Seqid1	:	CTAACACCTGAGCAGATACAAGCACGCCTT	:	210
Seqid3	:	:	120

	220	*	240	
Seqid1	:	AATGCTGCTGGACTGAATGCTAAGCCCCAA	:	240
Seqid3	:	:	150

	*	260	*	
Seqid1	:	TCACAAGCTTTGGATGTTGTCAATTTTGAT	:	270
Seqid3	:	:	180

	280	*	300	
Seqid1	:	GATCAATCGCCGATATCTCGTATCGGTGAG	:	300
Seqid3	:	:	210

	*	320	*	
Seqid1	:	CAATCACCCCCTTTGGGTTTGGATATGTCG	:	330
Seqid3	:	:	240

	340	*	360	
Seqid1	:	GTCATCGAAGAAACCACACCGCTAAGCTTG	:	360
Seqid3	:	:	270

	*	380	*	
Seqid1	:	GAGGAATTATTTGCTCAAGAATCTACTGAG	:	390
Seqid3	:	:	300

Figure 1C

	400	*	420	
Seqid1	:	ATGGGAATCAATCCAAATGATTATATTCCA	:	420
Seqid3	:	:	330

	*	440	*	
Seqid1	:	GAATATCAAGGCGAGCAACCTAATAGTGAG	:	450
Seqid3	:	:	360

	460	*	480	
Seqid1	:	GTGGTTGTACCACCGACATTAGAACCTGAA	:	480
Seqid3	:	:	390

	*	500	*	
Seqid1	:	AAACCAGGTTTGATCAAGCGTCTTTATGCA	:	510
Seqid3	:	:	420

	520	*	540	
Seqid1	:	CGCCTATTTAATGATGGTGTCAATAAGGTG	:	540
Seqid3	:	:	450

	*	560	*	
Seqid1	:	CCTAGGCTTAAGGCAAAATTTTATCAATCA	:	570
Seqid3	:	:	480

	580	*	600	
Seqid1	:	TCGCAATCAGGCGAAACCAGTGCGATTGGG	:	600
Seqid3	:	:	510

Figure 1D

	* 620 *	
Seqid1	: TCATCGCATCAAAAAACAGAGCCTTATGCA	: 630
Seqid3	:	: 540
	640 * 660	
Seqid1	: AATATCAAAGCAGCACTTGAAGACATCACC	: 660
Seqid3	:	: 570
	* 680 *	
Seqid1	: CAAGAGTCAGCGATGGATTTGAATGGCTCT	: 690
Seqid3	:	: 600
	700 * 720	
Seqid1	: ATCCCACGCCTAAGGCAAACCTGCTTTGGTG	: 720
Seqid3	:	: 630
	* 740 *	
Seqid1	: GCAGCGCGTGCTGTCGGTTATTATGATATT	: 750
Seqid3	:	: 660
	760 * 780	
Seqid1	: GATTTATCAATCATAAGAAATAGCATCGGA	: 780
Seqid3	:	: 690
	* 800 *	
Seqid1	: GAGGTGGATGTCATCATCCATGATTTAGGT	: 810
Seqid3	:	: 720

Replacement Sheet

Figure 1E

	820	*	840	
Seqid1	:	GAACCTGTTTATATTGATTATCGAGCGGTG	:	840
Seqid3	:	:	750
	*	860	*	
Seqid1	:	GAGGTACGAGGTGAAGGTGCTGATGATAAA	:	870
Seqid3	:	:	780
	880	*	900	
Seqid1	:	GCATTTACTACCGTGGCGGATGAGGTGCCA	:	900
Seqid3	:	:	810
	*	920	*	
Seqid1	:	TTGCTGATCGGCGATGTCTTTCATCATGGC	:	930
Seqid3	:C...	:	840
	940	*	960	
Seqid1	:	AAGTACGAAACCAAAAAAATCTCATCGAA	:	960
Seqid3	:	:	870
	*	980	*	
Seqid1	:	AATGCCAGTGCTGAACATGGATATTTTGAT	:	990
Seqid3	:	:	900
	1000	*	1020	
Seqid1	:	GGGCGTTGGCTGGATCGTTCAGTTGATGTA	:	1020
Seqid3	:	:	930

Replacement Sheet

Figure 1F

	*	1040	*	
Seqid1	:	ATTTTGCCAGATAATACCGCTGATGTCAGC	:	1050
Seqid3	:	:	960
	1060	*	1080	
Seqid1	:	TTAATTTATGATACAGGTACGCAGTATCGC	:	1080
Seqid3	:	:	990
	*	1100	*	
Seqid1	:	TTTGATGAGGTGGTATTTTTTACCATTGAT	:	1110
Seqid3	:A.....	:	1020
	1120	*	1140	
Seqid1	:	CCTAAAACCAATCAATTGACAACCGATCCA	:	1140
Seqid3	:	:	1050
	*	1160	*	
Seqid1	:	GATAAGCTGCCAGTTAAACGAGAATTACTT	:	1170
Seqid3	:	:	1080
	1180	*	1200	
Seqid1	:	GAGCAGTTACTCACCGTTAACATGGGAGAG	:	1200
Seqid3	:	:	1110
	*	1220	*	
Seqid1	:	GCTTACAATTTACAGGCGGTGCGTGCACTT	:	1230
Seqid3	:	:	1140

Replacement Sheet

Figure 1G

	1240	*	1260	
Seqid1	:	TCAAATGATTTGATTGCCACACGGTATTTT	:	1260
Seqid3	:	:	1170

	*	1280	*	
Seqid1	:	AATATGGTGAATACCGAGATTGTCTTTCCA	:	1290
Seqid3	:	:	1200

	1300	*	1320	
Seqid1	:	GAGCGTGAACAGATCCAAAACGACCAAGTG	:	1320
Seqid3	:	:	1230

	*	1340	*	
Seqid1	:	AGCTTTGAGCAGTCTTCAAGTAGCCGTACT	:	1350
Seqid3	:	:	1260

	1360	*	1380	
Seqid1	:	GAACCAGCACAAGTTGATGAAAGCACACTT	:	1380
Seqid3	:	:	1290

	*	1400	*	
Seqid1	:	GAACCTGTCATTGAAACCGTTGAGCTAACG	:	1410
Seqid3	:	:	1320

	1420	*	1440	
Seqid1	:	GATGGGATATTAATGGATATTTGCCCCATC	:	1440
Seqid3	:	:	1350

Replacement Sheet

Figure 1H

	*	1460	*	
Seqid1	:	GAATTTAGTGCATCTAATCTGATTCAAGAC	:	1470
Seqid3	:	:	1380
		1480	*	1500
Seqid1	:	AAGCTAAATTTGGTGGCTGCCAAGGCTCGC	:	1500
Seqid3	:	:	1410
	*	1520	*	
Seqid1	:	CATTTATATGACATGCCTGATGATAGGGTG	:	1530
Seqid3	:	:	1440
		1540	*	1560
Seqid1	:	CTTGCCATCAATCATGATGATGGCGTAAAT	:	1560
Seqid3	:	:	1470
	*	1580	*	
Seqid1	:	CGCTCTATTTTGGGCAGAATCAGCGATGCC	:	1590
Seqid3	:	:	1500
		1600	*	1620
Seqid1	:	GTATCTGCCGTTGCACGTGCTATTTTACCT	:	1620
Seqid3	:	:	1530
	*	1640	*	
Seqid1	:	GATGAATCTGAAAATGAGGTAATAGATTTG	:	1650
Seqid3	:	:	1560

Replacement Sheet

Figure 1I

	1660	*	1680	
Seqid1	:	CCCGAGCGTACCGCATTTGGCTAATCGCAAG	:	1680
Seqid3	:	:	1590

	*	1700	*	
Seqid1	:	ACCCCTGCTGATGTCTATCAAAGTAAAAAA	:	1710
Seqid3	:	:	1620

	1720	*	1740	
Seqid1	:	GTGCCGCTATATGTCTTTGTGGCGAGTGAT	:	1740
Seqid3	:	:	1650

	*	1760	*	
Seqid1	:	AAACCACGAGATGGTCAAATTGGTTTGGGC	:	1770
Seqid3	:C.....	:	1680

	1780	*	1800	
Seqid1	:	TGGGGATCGGACACAGGTACCCGCCTAGTC	:	1800
Seqid3	:	:	1710

	*	1820	*	
Seqid1	:	ACAAAATTTGAGCATAATTTGATTAATCGT	:	1830
Seqid3	:	:	1740

	1840	*	1860	
Seqid1	:	GATGGCTATCAAGCAGGCGCTGAGCTAAGA	:	1860
Seqid3	:	:	1770

Replacement Sheet

Figure 1J

	*	1880	*	
Seqid1	:	CTGTCTGAGGATAAAAAAGGGGTCAAGTTA	:	1890
Seqid3	:	:	1800

	1900	*	1920	
Seqid1	:	TATGCCACCAAACCGCTTAGCCACCCTCTA	:	1920
Seqid3	:	:	1830

	*	1940	*	
Seqid1	:	AATGATCAGCTAAGAGCAACTTTGGGTTAT	:	1950
Seqid3	:	:	1860

	1960	*	1980	
Seqid1	:	CAACAAGAAGTTTTTGGTCACTCTACCAAT	:	1980
Seqid3	:	:	1890

	*	2000	*	
Seqid1	:	GGTTTTGATTTATCCACACGCACCCTAGAG	:	2010
Seqid3	:	:	1920

	2020	*	2040	
Seqid1	:	CATGAGATTAGCCGCAGTATTATCCAAAAT	:	2040
Seqid3	:	:	1950

	*	2060	*	
Seqid1	:	GGTGGCTGGAATCGTACTTATTCATTGCGT	:	2070
Seqid3	:	:	1980

Replacement Sheet

Figure 1K

	2080	*	2100	
Seqid1	:	TATCGTCTTGATAAGCTTAAAACCCAAGCA	:	2100
Seqid3	:	:	2010
		*	2120	*
Seqid1	:	CCCCCTGAAACATGGCAGGATTTACCAGTG	:	2130
Seqid3	:	:	2040
	2140	*	2160	
Seqid1	:	GATTTTGTCAATGGTAAGCCAAGCCAAGAG	:	2160
Seqid3	:	:	2070
		*	2180	*
Seqid1	:	GCGTTATTGGCAGGTGTTGCTGTGCATAAA	:	2190
Seqid3	:	:	2100
	2200	*	2220	
Seqid1	:	ACGGTTGCAGATAATTTGGTTAATCCGATG	:	2220
Seqid3	:	:	2130
		*	2240	*
Seqid1	:	CGTGGCTATCGTCAGCGATATTCTTTAGAG	:	2250
Seqid3	:	:	2160
	2260	*	2280	
Seqid1	:	GTTGGCTCAAGCGGTTTGGTATCGGATGCT	:	2280
Seqid3	:	:	2190

Replacement Sheet

Figure 1L

	*	2300	*	
Seqid1	:	AATATGGCTATTGCTCGAGCTGGTATTAGT	:	2310
Seqid3	:	:	2220

	2320	*	2340	
Seqid1	:	GGCGTGTATAGTTTTGGGGATAATGCTTAT	:	2340
Seqid3	:	:	2250

	*	2360	*	
Seqid1	:	GGCAGCAATCGTGCCCATCAGATGACTGGT	:	2370
Seqid3	:	:	2280

	2380	*	2400	
Seqid1	:	GGCATACAAGCAGGATACATTTGGTCGGAT	:	2400
Seqid3	:	:	2310

	*	2420	*	
Seqid1	:	AATTTTAATCATGTGCCATATCGTTTGCGT	:	2430
Seqid3	:	:	2340

	2440	*	2460	
Seqid1	:	TTTTTTGCTGGTGGCGACCAAAGTATTCGT	:	2460
Seqid3	:	:	2370

	*	2480	*	
Seqid1	:	GGATATGCACATGACAGTTTATCACCTATA	:	2490
Seqid3	:	:	2400

Replacement Sheet

Figure 1M

	2500	*	2520	
Seqid1	:	TCAGATAAGGGTTATCTGACAGGCGGTCAA	:	2520
Seqid3	:	:	2430

		*	2540	*
Seqid1	:	GTATTGGCGGTTGGTACAGCTGAATATAAT	:	2550
Seqid3	:	:	2460

	2560	*	2580	
Seqid1	:	TATGAATTTATGAAAGATTTGCGTTTGGCG	:	2580
Seqid3	:	:	2490

		*	2600	*
Seqid1	:	GTTTTTGGTGATATTGGTAATGCTTATGAT	:	2610
Seqid3	:	:	2520

	2620	*	2640	
Seqid1	:	AAAGGCTTTACTAATGATACCAAATTGGT	:	2640
Seqid3	:	:	2550

		*	2660	*
Seqid1	:	GCAGGTGTCGGTGTTGCTGGGCATCACCT	:	2670
Seqid3	:	:	2580

	2680	*	2700	
Seqid1	:	GTCGGTCAAGTTCGTGTTGATGTGGCAACT	:	2700
Seqid3	:	:	2610

Replacement Sheet

Figure 1N

```

                                *           2720           *
Seqid1  : GGTGTCAAAGAAGAGGGCAATCCCATTAAG : 2730
Seqid3  : ..... : 2640

```

```

                2740                *                2760
Seqid1  : CTGCATTTTTTTTATTGGCACACCATTTTAA : 2760
Seqid3  : ..... : 2670

```

Figure 2A

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

	*	20	*	
Seqid2	:	MSKPVL	FANRSFMPVALAAYLPLMTSQALA	: 30
Seqid4	:	-----		: -

	40	*	60	
Seqid2	:	QQNNPANI	INHVPAHDTAINQAKAGNPPVL	: 60
Seqid4	:		: 30

	*	80	*	
Seqid2	:	LTPEQIQARL	NAAGLNAKPQSQALDVVNFD	: 90
Seqid4	:		: 60

	100	*	120	
Seqid2	:	DQSPISRIGE	QSPPLGLDMSVIEETTPLSL	: 120
Seqid4	:		: 90

	*	140	*	
Seqid2	:	EELFAQESTEM	GINPNDYIPEYQGEQPNSE	: 150
Seqid4	:		: 120

	160	*	180	
Seqid2	:	VVVPPTLEPEK	PGLIKRLYARLFNDGVNKV	: 180
Seqid4	:		: 150

Replacement Sheet

Figure 2B

		*	200	*	
Seqid2	:	PRLKAKFYQSSQSGETSAIGSSHQKTEPYA	:	210	
Seqid4	:	:	180	

		220	*	240	
Seqid2	:	NIKAALEDITQESAMDLNGSIPRLRQTALV	:	240	
Seqid4	:	:	210	

		*	260	*	
Seqid2	:	AARAVGYDIDLSIIRNSIGEVVDVIIHDLG	:	270	
Seqid4	:	:	240	

		280	*	300	
Seqid2	:	EPVYIDYRAVEVRGEGADDKAFTTVADEVP	:	300	
Seqid4	:	:	270	

		*	320	*	
Seqid2	:	LLIGDVFHHGKYETKKNLINASAHEHGYFD	:	330	
Seqid4	:	:	300	

		340	*	360	
Seqid2	:	GRWLDRSVDVILPDNTADVSLIYDTGTQYR	:	360	
Seqid4	:	:	330	

		*	380	*	
Seqid2	:	FDEVVFFTIDPKTNQLTTDPDKLPVKRELL	:	390	
Seqid4	:	:	360	

Replacement Sheet

Figure 2C

	400	*	420	
Seqid2	:	EQLLTVNMGEAYNLQAVRALSNDLIATRYF	:	420
Seqid4	:	:	390

	*	440	*	
Seqid2	:	NMVNTEIVFPEREQIQNDQVSFEQSSSSRT	:	450
Seqid4	:	:	420

	460	*	480	
Seqid2	:	EPAQVDESTLEPVIETVELTDGILMDISPI	:	480
Seqid4	:	:	450

	*	500	*	
Seqid2	:	EFSASNLIQDKLNLVAAKARHLYDMPDDR	:	510
Seqid4	:	:	480

	520	*	540	
Seqid2	:	LAINHDDGVNRSILGRISDAVSAVARAILP	:	540
Seqid4	:	:	510

	*	560	*	
Seqid2	:	DESENEVIDLPERTALANRKTPADVYQSKK	:	570
Seqid4	:	:	540

	580	*	600	
Seqid2	:	VPLYVVFVASKPRDGQIGLGWGS DTGTRLV	:	600
Seqid4	:	:	570

Replacement Sheet

Figure 2D

	*	620	*	
Seqid2	:	TKFEHNLINRDGYQAGAE LRLSEDKKGVKL	:	630
Seqid4	:	:	600

	640	*	660	
Seqid2	:	YATKPLSHPLNDQLRATLG YQQEVFGHSTN	:	660
Seqid4	:	:	630

	*	680	*	
Seqid2	:	GFDLSTR TLEHEISR SIIQNGGWNRTYSLR	:	690
Seqid4	:	:	660

	700	*	720	
Seqid2	:	YRLDKLKTQAPPETWQDLP VDFVNGKPSQE	:	720
Seqid4	:	:	690

	*	740	*	
Seqid2	:	ALLAGVAVHKT VADNLVNPMRGYRQRYSL E	:	750
Seqid4	:	:	720

	760	*	780	
Seqid2	:	VGSSGLVSDANMAIARAGISGVYSFGDNAY	:	780
Seqid4	:	:	750

	*	800	*	
Seqid2	:	GSNRAHQMTGGIQAGYIWSDNFNHVPYRLR	:	810
Seqid4	:	:	780

Replacement Sheet

Figure 2E

820 * 840
Seqid2 : FFAGGDQSIRGYAHDSLSPISDKGYLTGGQ : 840
Seqid4 : : 810

* 860 *
Seqid2 : VLAVGTAEYNYEFMKDLRLAVFGDIGNAYD : 870
Seqid4 : : 840

880 * 900
Seqid2 : KGFTNDTKIGAGVGVRWASPVGQVRVDVAT : 900
Seqid4 : : 870

* 919
Seqid2 : GVKEEGNPIKLNHFFIGTPF : 919
Seqid4 :F : 889

Figure 3

